

文章编号: 1000-0615(2005)02-0154-07

## 两个人工雌核发育系鲢近交 $F_1$ 遗传多样性的 RAPD 分析

张桂蓉<sup>1,2</sup>, 严安生<sup>2</sup>, 邹桂伟<sup>1,3</sup>, 罗相忠<sup>1,3</sup>, 黄 峰<sup>2</sup>

(1. 中国水产科学研究院长江水产研究所, 农业部淡水鱼类种质资源与生物技术重点开放实验室, 湖北 荆州 434000;

2. 华中农业大学水产学院, 湖北 武汉 430070;

3. 中国水产科学研究院淡水渔业研究中心, 江苏 无锡 214081)

**摘要:**采用 RAPD 技术对两个人工雌核发育系鲢近交  $F_1$  遗传距离、遗传相似度及群体遗传多样性进行分析, 用普通鲢和鲤作对照。结果表明: GSC I、II 系近交  $F_1$  系内个体间平均遗传相似度分别为 0.972 2、0.980 7, 高于对照鲢和鲤的 0.954 6、0.872 7; 两系近交  $F_1$  的遗传多样性指数分别为 0.062 9、0.052 9, 低于对照鲢和鲤的 0.101 8 和 0.213 2, 表明 GSC I、II 系内近交的  $F_1$  保持了较高的纯度。UPGMA 和 NJ 系统树清晰反映了两个系近交  $F_1$  与对照组个体间的相互关系。26 个随机引物的 RAPD 扩增结果显示, 5 个引物 OPG04、OPG17、OPP01、OPM11、OPM16 可以扩增出区分两个系近交  $F_1$  的特异标志带。

**关键词:**雌核发育; 鲢; 近交子一代; 随机扩增多态性 DNA; 遗传多样性

中图分类号: Q959.4

文献标识码: A

## RAPD analysis of genetic diversity of inbreeding $F_1$ progeny in two artificial gynogenetic strains of silver carp

ZHANG Gui-rong<sup>1,2</sup>, YAN An-sheng<sup>2</sup>, ZOU Gui-wei<sup>1,3</sup>, LUO Xiang-zhong<sup>1,3</sup>, HUANG Feng<sup>2</sup>

(1. Key Lab of Freshwater Fish Germplasm Resources and Biotechnology Certificated by Ministry of Agriculture, Yangtze River Fisheries Research Institute, Chinese Academy of Fishery Sciences, Jingzhou 434000, China;

2. Fisheries College, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China;

3. Freshwater Fisheries Research Center, Chinese Academy of Fishery Sciences, Wuxi 214081, China)

**Abstract:** Silver carp (*Hypophthalmichthys molitrix*) is one of the main-farmed freshwater fishes and possesses a large proportion in freshwater aquaculture in China. At the present time, because of the lack of techniques in seed selection and seed protection, the natural resources of silver carp were destroyed, and the propagations in close relatives lead to the germplasm degeneration. In China, researchers have preliminarily established two artificial gynogenetic strains of silver carp at present based on molecular marker techniques, but the success in inducing gynogenesis is only the first step to achieve breeding selection of good strain in silver carp, the next step is to solve the problems in reproducing offspring and keeping good characters of parents. In order to test the stability of their genetic characters, genetic distance, genetic similarity and population genetic diversity of inbreeding  $F_1$  progeny in two artificial gynogenetic strains of silver carp were analyzed with the methods of RAPD, with common carp and common silver carp as control groups. The results indicate that mean genetic similarities among individuals in inbreeding  $F_1$  progeny of GSC I (Gynogenetic Silver Carp, strain I) and GSC II are 0.972 2 and 0.980 7 respectively, which are higher than those of common silver carp group (0.954 6) and common carp group (0.872 7). Shannon's index of phenotypic diversity of two strains are 0.062 9 and 0.052 9 respectively, which are lower than those of common silver carp group (0.101 8) and common carp group (0.213 2). The experimental results show that the inbreeding  $F_1$  progeny in two strains of GSC I and GSC II keep higher consistency. The relationships among individuals of inbreeding  $F_1$  progeny in two strains and two control groups are shown clearly in UPGMA and NJ tree. The

收稿日期: 2003-12-01

资助项目: 国家“十五”科技攻关专题资助(2001BA505B0501)

作者简介: 张桂蓉(1970-), 女, 四川夹江人, 硕士, 高级工程师, 主要从事鱼类生理学实验教学和科研工作。Tel: 027-87282113, E-mail: grzhang@mail.hzau.edu.cn

通讯作者: 邹桂伟, Tel: 0716-8130007, E-mail: zougw@yfi.ac.cn

RAPD amplified results from 26 random primers indicate that specific DNA fragments are amplified by five primers (OPG04, OPG17, OPPO1, OPM11 and OPM16), which can be used to discriminate the inbreeding F<sub>1</sub> progeny of two artificial gynogenetic strains of silver carp.

**Key words:** gynogenesis; *Hypophthalmichthys molitrix*; inbreeding F<sub>1</sub> progeny; RAPD; genetic diversity

鲢 (*Hypophthalmichthys molitrix*) 是我国淡水主养鱼类之一,在我国淡水养殖业中占有重要地位,但由于缺乏选种和保种技术,导致鲢优良种质退化。雌核发育 (gynogenesis) 是快速获得纯系的有效手段之一,在鱼类育种中占有重要地位,常用于优良品系的选育。长江水产研究所从 1987 年开始用雌核发育和性别控制技术选育鲢优良品系的工作,目前已初步建立了 2 个人工雌核发育系。对雌核发育鲢的研究仅有 F<sub>1</sub> 同工酶、蛋白质及 RAPD 指纹方面的报道<sup>[1-3]</sup>。对雌核发育草鱼近交 F<sub>1</sub> 的生化遗传特性和锦鲤不同雌核发育群体的 RAPD 标记也有一些报道<sup>[4,5]</sup>,而连续两代雌核发育鲢近交 F<sub>1</sub> 的遗传多样性研究还未见报道,开展此项研究有助于结合生长对比实验和前期工作验证建立的雌核发育系后代的遗传稳定性,最终为选育出优良性状的鲢新品种提供分子遗传学依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材料来源

实验用鲢的样本取自中国水产科学研究院长江水产研究所。两个人工雌核发育系的获得是用长江沙市江段的亲本鲢采用文献<sup>[6]</sup>的方法经过连续两代人工雌核发育,获得雌核发育鲢 F<sub>2</sub> (简称 GSC F<sub>2</sub>),根据 GSC F<sub>2</sub> 个体间的遗传距离分为两个系,即 GSC I、GSC II 系。两个系内均发现少

量雄性个体,雌雄个体近交所得的后代为雌核发育鲢近交 F<sub>1</sub>。随机抽取 GSC I 系近交 F<sub>1</sub> 个体 6 尾,GSC II 系近交 F<sub>1</sub> 个体 11 尾,两系的近交 F<sub>1</sub> 样本均为 7 月龄,体重 100 ~ 250 g。以荆州人工繁殖群体中的普通鲢 (CSC) 和普通鲤 (CC) 各 6 尾作为对照。

### 1.2 试验方法

**总 DNA 提取方法** 0.1g 脑组织加 500 μL 裂解液 (10 mmol · L<sup>-1</sup> Tris-HCl, pH8.0; 100 mmol · L<sup>-1</sup> EDTA, pH8.0; 0.5% SDS),在冰浴条件下匀浆,匀浆液转入 1.5 mL 离心管中,加入终浓度为 20 μg · L<sup>-1</sup> 的 RNAase A,混匀后 37 °C 水浴保温 1 h,然后加入终浓度为 100 μg · L<sup>-1</sup> 蛋白酶 K,充分混匀后 55 °C 水浴消化过夜。常规酚、氯仿、异戊醇抽提,乙醇沉淀。收集 DNA 加 TE 溶解,用 BioPhotometer 6131 型蛋白质核酸检测仪检测 DNA 含量与纯度。

**PCR 反应体系与电泳** 所用引物为 Operon 公司生产的 I、P、G、M 组共 80 个引物中筛选的 26 个随机引物,引物序列见表 1。Taq DNA 聚合酶为 Promega 产品,反应体系和扩增条件按文献<sup>[7]</sup>的方法进行。在 PTC-200 型 PCR 仪上扩增,扩增产物用 1.4% 琼脂糖凝胶 (含 0.5 mg · L<sup>-1</sup> 溴化乙锭) 电泳分离, GeneGenius 凝胶成像系统观察摄影。

表 1 所用引物编号、序列

Tab.1 The codes and sequences of primers

引物 primer	序列(5' - 3') sequence (5' - 3')	引物 primer	序列(5' - 3') sequence (5' - 3')	引物 primer	序列(5' - 3') sequence (5' - 3')
OPI - 03	CAGAAGCCCA	OPP - 03	CTGATACGCC	OPG - 14	GGATGAGACC
OPI - 13	CTGGGGCTGA	OPP - 05	CCCCGGTAAC	OPG - 15	ACTGGGACTC
OPI - 14	TGACGGCGGT	OPP - 07	GTCCATGCCA	OPG - 17	ACGACCGACA
OPI - 16	TCTCCGCCCT	OPP - 08	ACATCGCCCA	OPG - 19	GTCAGGGCAA
OPI - 17	GGTGGTGATG	OPP - 11	AACGCGTCGG	OPM - 11	GTCCACTGTG
OPI - 18	TGCCCAGCCT	OPP - 13	GGAGTGCCTC	OPM - 15	GACCTACCAC
OPI - 19	AATGCGGGAG	OPP - 17	TGACCCGCCCT	OPM - 16	GTAACCAGCC
OPP - 01	GTAGCACTCC	OPG - 04	AGCGTGTCTG	OPM - 17	TCAGTCCGGG
OPP - 02	TCGGCACGCA	OPG - 11	TGCCCGTCGT		

### 1.3 数据处理

Shannon 遗传多样性指数和多态位点 参照 Luciane 等<sup>[8]</sup>的方法,用 Shannon 遗传多样性指数(Shannon's index of phenotypic diversity)表示群体的遗传多样性:

$$H_o = - \sum \pi_i \ln \pi_i$$

$H_o$ 为全部引物所检测到的某群体中所有位点(包括单态位点和多态位点)的多样性, $\pi_i$ 为某位点(某 DNA 带)在被检测群体中的表型频率。

多态位点百分率用  $P(\%) = (P/B) \times 100$  表示,即多态座位数(P)和所有扩增座位数(B)的比率。

Shannon 遗传多样性指数和多态位点百分率用 Popgene1.32 软件<sup>[9]</sup>完成。

遗传距离和遗传相似度 任意两个个体间的 Nei 氏遗传距离和遗传相似度<sup>[10]</sup>:

$$S = 2N_{xy} / (N_x + N_y)$$

$$D = 1 - S$$

其中  $S$  为遗传相似度, $D$  为遗传距离。 $N_x$  为个体  $x$  具有带的条数, $N_y$  为个体  $y$  具有的带的条数, $N_{xy}$  为两个个体共有带的条数。 $S$  和  $D$  的计算由 RAPDistance2.00 软件完成。

聚类分析 根据 Nei 氏遗传距离,由 PHYLIP 软件包中的 Neighbor 程序用 UPGMA 法和 NJ 法分别构建两个系雌核发育鲢近交  $F_1$  和对照鲤、鲢的聚类图。

## 2 结果

### 2.1 两个系雌核发育鲢近交 $F_1$ 和对照组 RAPD 扩增结果

筛选出 26 个引物对 GSC I、GSC II 系近交  $F_1$

和对照鲢、鲤共 29 个个体进行扩增,只统计稳定清晰的 DNA 带,26 个引物共产生了 315 条扩增片段,单个引物检测到的位点数在 8~17,片段大小从 0.3~2.7 kb。GSC I、II 系近交  $F_1$  和对照鲢 3 个群体的扩增图谱大部分是相似的,与对照鲤差别较大,如图 1 所示为 OPI14 号引物在 4 个群体共 29 个个体上的扩增图谱。OPG04、OPG17、OPP01、OPM11、OPM16 扩增的结果显示,GSC I、II 系近交  $F_1$  之间有明显 1~2 条带的差异,可用于区分这两个系,图 2 为引物 OPG17 的扩增图谱,在 1400 kb 处显示 I 系所有个体比 II 系多 1 条扩增带。在 OPG04 号引物上检测到 II 系和对照鲤具有相同大小为 920 bp 的扩增带,而 I 系和对照鲢没有,如 3 图所示。同样在 OPP03 号引物上检测到 I 系 4 尾鱼具有与对照鲤相同的扩增带,而对照鲢和 II 系则没有。

### 2.2 Shannon 指数和多态位点百分率

26 个引物对 GSC I、II 系近交  $F_1$  和对照鲢、鲤扩增的总带数分别为 210、211、212 和 192,单个引物分别在四个群体中扩增出的带数在 3~12 之间。26 个引物在两个雌核发育系近交  $F_1$  和对照组的扩增位点数、Shannon 指数  $H_o$  和多态位点百分率见表 2。GSC I、II 系的多态位点百分率分别为 11.48% 和 9.95%,低于对照鲢的 17.45% 和对照鲤的 45.37%。两个系的 Shannon 指数也明显低于对照组的鲢和鲤。由于  $H_o$  所包含的信息量可以描述生物群体某种生命现象的离散性,即多样性, $H_o$  值越大则群体的离散性越高、多样性越丰富。从表 2 可知,鲢经过连续两代的雌核发育以后,系内近交的  $F_1$  多样性指数维持在较低水平,说明这两个系还是比较纯的。

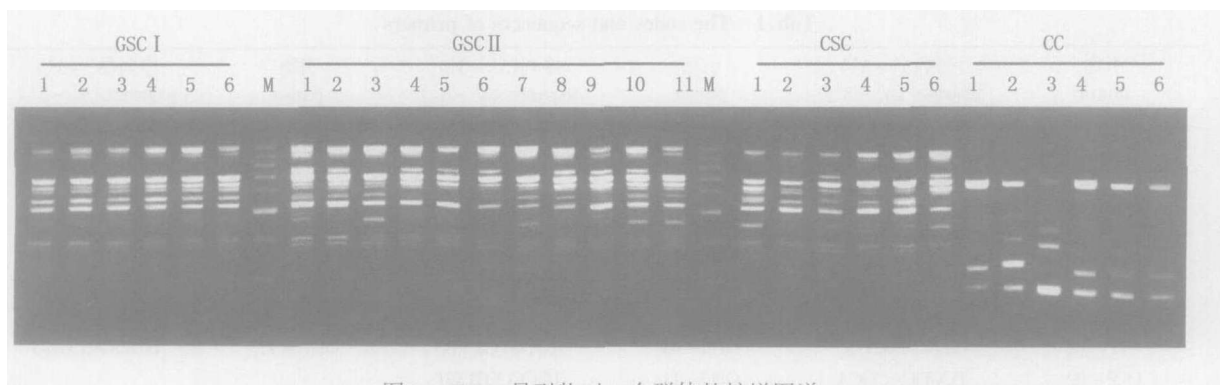


图 1 OPI14 号引物对 4 个群体的扩增图谱  
Fig.1 Amplification profile in four groups generated by OPI14 primer  
M: 400-2000bp DNA ladder

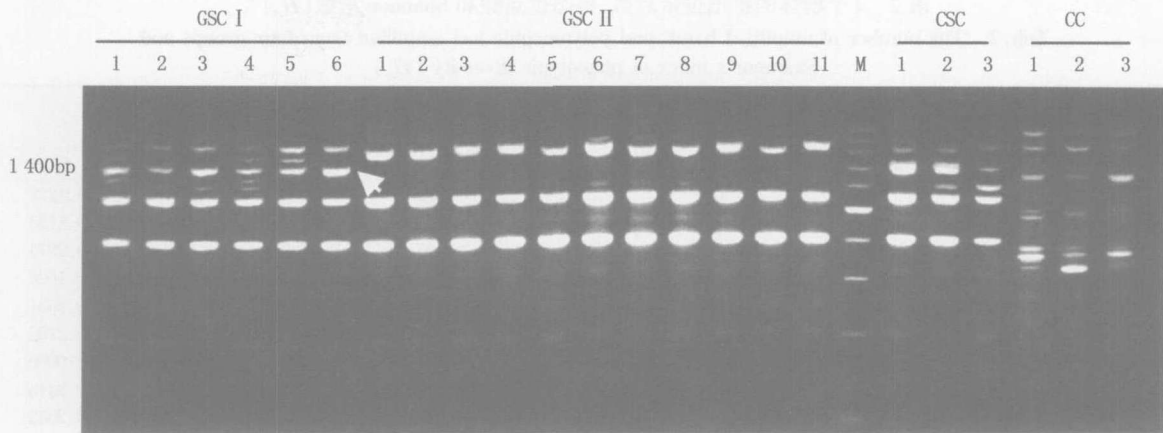


图 2 OPG17 号引物对 4 个群体的扩增图谱

Fig.2 Amplification profile in four groups generated by OPG17 primer

M: 400-2 000bp DNA ladder

箭头所示为 GSC I 系在 1 400bp 处比 II 系多的扩增带. Arrow indicates difference between GSC I and GSC II

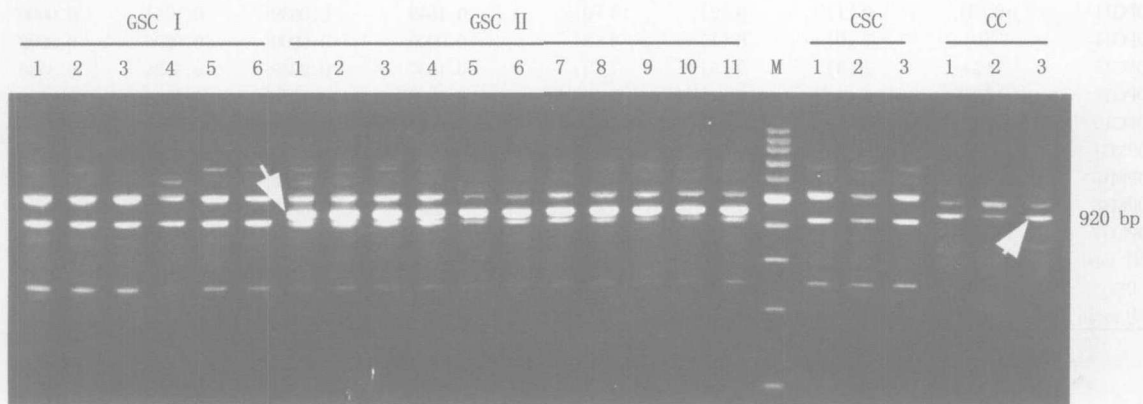


图 3 OPG04 号引物对 4 个群体的扩增图谱

Fig.3 Amplification profile in four groups generated by OPG04 primer

M: 400-2 000bp DNA ladder

箭头所示为 GSC II 与对照鲤的共有带. Arrow indicates alike band between GSC II and control carp

### 2.3 Nei 氏遗传相似度和遗传距离

通过统计分析, GSC I、II 系近交 F<sub>1</sub> 的遗传距离和遗传相似度见表 3 和表 4。GSC I 系个体间的遗传距离为 0.017 5~0.040 4, 平均 0.027 8; 个体间平均相似度 0.972 2。II 系个体间的遗传距离为 0.009 8~0.032 3, 平均 0.019 3; 平均遗传相似度 0.980 7。对照鲢个体间的平均遗传距离为 0.045 4, 平均相似度为 0.954 6; 对照鲤个体间平均遗传距离为 0.127 3, 遗传相似度为 0.872 7。

以群体内遗传距离的平均值计算群体之间的遗传距离, 结果见表 5。两个系之间的遗传距离为 0.067 9, 遗传相似度为 0.932 1; 两系和对照鲢

的遗传距离分别为 0.096 7、0.081 5, 与对照鲤的遗传距离为分别为 0.553 3、0.562 3。由上表可知, GSC I、II 系近交 F<sub>1</sub> 间的亲缘关系最近, 其次为两系与对照鲢的关系较近, 与对照鲤的亲缘关系最远。

### 2.4 聚类图

根据 29 个个体间的 Nei 氏遗传距离, 采用 NJ 法和 UPGMA 法构建所有个体的聚类图。两种方法的结果相似, 如图 4 和图 5 所示。I 系的 6 个个体和 II 系的 11 个个体先分别聚在一起, 然后 I、II 两系聚为一类, 再与对照鲢聚在一起, 最后与对照鲤聚在一起。

表 2 4 个群体的扩增位带点数、多态位点数和 Shannon 指数 ( $H_o$ )  
 Tab.2 The number of amplified bands and polymorphic loci amplified from four groups and Shannon's index of phenotypic diversity ( $H_o$ )

引物 primer	扩增位带点数(多态位点数) no. of amplified bands (polymorphic loci)				Shannon 指数 $H_o$ Shannon's index			
	GSC I	GSC II	CSC	CC	GSC I	GSC II	CSC	CC
OPI03	12 (0)	12 (0)	12 (0)	8 (2)	0.0000	0.0000	0.0000	0.1222
OPI13	8 (0)	8 (0)	9 (1)	10 (2)	0.0000	0.0000	0.0757	0.1153
OPI14	12 (0)	13 (1)	12 (3)	7 (5)	0.0000	0.0532	0.1524	0.2914
OPI16	9 (0)	10 (1)	9 (0)	6 (2)	0.0000	0.0692	0.0000	0.1628
OPI17	8 (0)	8 (0)	9 (2)	10 (5)	0.0000	0.0000	0.1423	0.2531
OPI18	9 (0)	9 (0)	9 (1)	6 (3)	0.0000	0.0000	0.0757	0.2755
OPI19	12 (0)	11 (0)	11 (1)	9 (0)	0.1068	0.0000	0.0615	0.0000
OPP01	6 (0)	7 (0)	8 (1)	5 (2)	0.0000	0.0000	0.0846	0.2418
OPP02	4 (1)	4 (0)	5 (2)	10 (5)	0.1191	0.0000	0.2162	0.2663
OPP03	5 (1)	4 (0)	4 (0)	5 (3)	0.1362	0.0000	0.0000	0.3771
OPP05	10 (3)	13 (6)	11 (4)	8 (5)	0.1653	0.1894	0.2082	0.2782
OPP07	8 (0)	7 (1)	5 (0)	7 (4)	0.0000	0.0597	0.0000	0.3594
OPP08	10 (0)	10 (0)	10 (1)	11 (9)	0.0000	0.0000	0.0677	0.4422
OPP11	12 (3)	10 (0)	9 (1)	10 (7)	0.1211	0.0000	0.0530	0.3584
OPP13	6 (2)	4 (0)	5 (3)	4 (1)	0.1803	0.0000	0.2755	0.0740
OPP17	4 (0)	5 (1)	6 (2)	3 (1)	0.0000	0.1384	0.1829	0.2269
OPG04	5 (3)	6 (1)	5 (0)	3 (0)	0.0000	0.1020	0.0000	0.0000
OPG11	10 (3)	9 (1)	9 (2)	4 (0)	0.1649	0.0639	0.1344	0.0000
OPG14	7 (0)	7 (0)	8 (1)	8 (3)	0.0000	0.0000	0.0596	0.2292
OPG15	7 (2)	7 (3)	9 (5)	7 (5)	0.1837	0.2839	0.3324	0.3538
OPG17	9 (3)	6 (1)	6 (1)	9 (2)	0.1958	0.1020	0.1136	0.1053
OPG19	6 (1)	8 (2)	8 (3)	3 (1)	0.1127	0.1362	0.1791	0.1590
OPM11	8 (0)	9 (0)	8 (1)	11 (6)	0.0000	0.0000	0.0845	0.2936
OPM15	6 (0)	6 (0)	7 (0)	9 (3)	0.0000	0.0000	0.0000	0.1409
OPM16	6 (0)	7 (0)	7 (1)	8 (2)	0.0000	0.0000	0.0966	0.1441
OPM17	11 (3)	11 (3)	11 (1)	11 (6)	0.1502	0.1771	0.0620	0.2734
总计 total	210 (24)	211 (21)	212 (37)	192 (88)				
P%	11.48	9.95	17.45	45.73				
平均 mean					0.0629	0.0529	0.1018	0.2132

表 3 GSC I 系群体内个体之间的 Nei 氏遗传距离 ( $D$ ) 和遗传相似度 ( $S$ )  
 Tab.3 Genetic similarity and genetic distance among 6 individuals of GSC I

	I 1	I 2	I 3	I 4	I 5	I 6
I 1		0.9698	0.9727	0.9825	0.9777	0.9723
I 2	0.0302		0.9673	0.9772	0.9622	0.9719
I 3	0.0273	0.0327		0.9700	0.9701	0.9596
I 4	0.0175	0.0228	0.0300		0.9750	0.9746
I 5	0.0223	0.0378	0.0299	0.0250		0.9798
I 6	0.0277	0.0281	0.0404	0.0254	0.0202	

注: 对角线上方为遗传相似度, 下方为遗传距离, 下同

Notes: Genetic similarity above diagonal and genetic distance below diagonal, the same below

表 4 GSC II 系群体内个体之间的 Nei 氏遗传距离 ( $D$ ) 和遗传相似度 ( $S$ )  
 Tab.4 Genetic similarity and genetic distance among 11 individuals of GSC II

	II 1	II 2	II 3	II 4	II 5	II 6	II 7	II 8	II 9	II 10	II 11
II 1		0.9877	0.9800	0.9851	0.9826	0.9777	0.9800	0.9803	0.9755	0.9778	0.9724
II 2	0.0123		0.9876	0.9877	0.9803	0.9901	0.9826	0.9780	0.9781	0.9902	0.9801
II 3	0.0200	0.0124		0.9801	0.9776	0.9875	0.9849	0.9703	0.9704	0.9777	0.9824
II 4	0.0149	0.0123	0.0199		0.9877	0.9877	0.9801	0.9902	0.9805	0.9828	0.9726
II 5	0.0174	0.0197	0.0224	0.0123		0.9851	0.9776	0.9877	0.9878	0.9754	0.9750
II 6	0.0223	0.0099	0.0125	0.0123	0.0149		0.9875	0.9779	0.9829	0.9852	0.9800
II 7	0.0200	0.0174	0.0151	0.0199	0.0224	0.0125		0.9752	0.9754	0.9777	0.9773
II 8	0.0197	0.0220	0.0297	0.0098	0.0123	0.0221	0.0248		0.9854	0.9731	0.9677
II 9	0.0245	0.0219	0.0296	0.0195	0.0122	0.0171	0.0246	0.0146		0.9781	0.9778
II 10	0.0222	0.0098	0.0223	0.0172	0.0246	0.0148	0.0223	0.0269	0.0219		0.9801
II 11	0.0276	0.0199	0.0176	0.0274	0.0250	0.0200	0.0227	0.0323	0.0222	0.0199	

表 5 4 个群体间的平均遗传距离和平均遗传相似度  
Tab.5 Average genetic similarity and average genetic distance among 4 groups

	GSC I	GSC II	CSC	CC
GSC I		0.9321	0.9033	0.4467
GSC II	0.0679		0.9185	0.4377
CSC	0.0967	0.0815		0.4389
CC	0.5533	0.5623	0.5611	

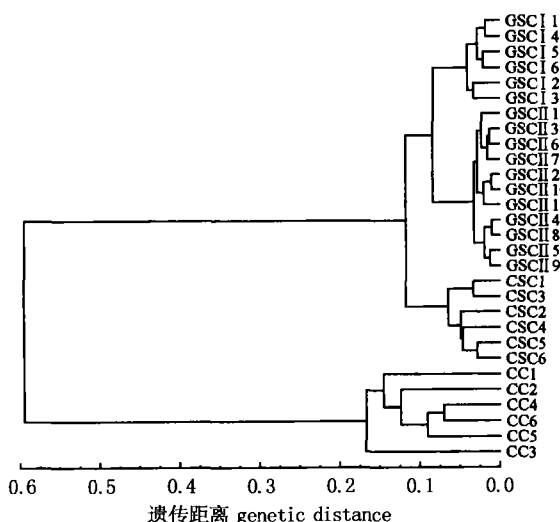


图 4 4 个群体 29 个个体的 NJ 聚类图

Fig.4 Cluster diagram of 29 individuals in four groups by NJ method

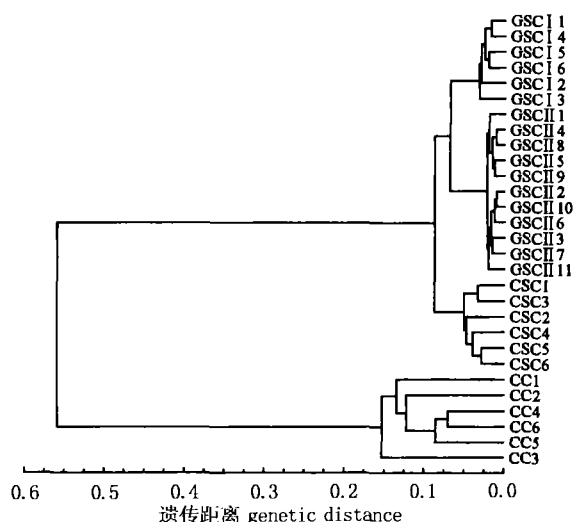


图 5 4 个群体 29 个个体的 UPGMA 聚类图

Fig.5 Cluster diagram of 29 individuals in four groups by UPGMA method

### 3 讨论

26 个引物在两个雌核发育系近交  $F_1$  和两个对照组共 4 个群体中检测到的多态位点百分率分别为 11.48%、9.95%、17.45%、45.73%，Shannon 多样性指数为 0.0629、0.0529、0.1018、0.2132，四个群体内 Nei 氏遗传距离为 0.0278、0.0193、0.0453、0.1270，这 3 种方法和聚类分析的结果是一致的，即对照鲤群体多样性 > 对照鲢群体 > 雌核发育 I 系近交  $F_1$  > 雌核发育 II 系近交  $F_1$ 。张四明等<sup>[7]</sup>对长江水系 4 个种群的鲢进行 RAPD 分析表明多态百分率为 13%。本研究结果表明两个雌核发育系近交  $F_1$  多态百分率分别为 11.48%、9.95%，比普通天然群体鲢的多态百分率低。张德春等对不同人工繁殖群体鲢的遗传多样性研究表明，湖北荆州人繁群体内平均遗传相似度为 0.9715，广西昭平的为 0.9665<sup>[11]</sup>。本研究表明经过连续两代雌核发育后，系内近交  $F_1$  个

体间的遗传相似度分别为 0.9722 和 0.9807，比对照普通两性繁殖群体的相似度 0.9546 偏高，这说明两个雌核发育系鲢系内近交的后代种质保持较高的纯度。

由于雌核发育过程中没有雌雄两性原核的融合，遗传物质理论上来源于卵子，在育种上可以快速获得纯系，但是近来很多研究表明雌核发育子代中整入了部分父本信息<sup>[12,13]</sup>。张海发等<sup>[12]</sup>认为，彭泽鲫雌核发育子代中具有与父本相同而与母本相异的扩增带，本课题组在连续两代雌核发育个体上也检测到类似结果。在两个雌核发育系近交  $F_1$  上同样也检测到有与对照鲤相同而对照鲢没有的扩增带，不过两个系表现不同，引物 OPP03 号在 I 系、OPG04 号在 II 系上分别检测到与鲤相同而对照鲢没有的扩增带，这也许是其亲本在雌核发育过程中雄鲤的精子整入不同的 DNA 片段所致。

## 参考文献:

- [1] 杨书婷, 桂建芳. 两个雌核发育白鲢群体同工酶分析及遗传标记的确定[J]. 水生生物学报, 1999, 23(3): 264-268.
- [2] 邓怀, 张四明, 汪登强, 等. 雌核发育鲢 RAPD 指纹和蛋白质电泳研究[J]. 淡水渔业, 1998, 28(6): 10-13.
- [3] 毛晗, 周莉, 桂建芳. 鲢两个人工雌核发育家系的 RAPD 分析[J]. 水生生物学报, 2003, 27(5): 347-350.
- [4] 贾海波, 周莉, 桂建芳. 两个人工雌核发育红白锦鲤群体的 RAPD 标记分析[J]. 水生生物学报, 2002, 26(1): 1-7.
- [5] 肖亚梅, 刘筠, 罗琛. 雌核发育草鱼近交  $F_1$  代的生化遗传特性[J]. 水产学报, 2001, 25(6): 495-499.
- [6] 潘光碧. 人工诱导鱼类雌核发育技术研究[J]. 淡水渔业, 1988, (6): 17-20.
- [7] 张四明, 邓怀, 汪登强, 等. 长江水系鲢和草鱼遗传结构及变异性的 RAPD 标记[J]. 水生生物学报, 2001, 25(4): 324-330.
- [8] Luciane G, Suzana C M. Genetic variation in natural populations of mate (*Llex paraguayensis* A. St. - Hil, Aquifoliaceae) using RAPD markers [J]. Heredity, 2000, 84: 647-656.
- [9] Yeh F C, Boyle T. POPGENE version 1. 32: Microsoft Windows-base Software for Population Genetic Analysis [Z]. 1997.
- [10] Nei M, Li W H. Mathematics mode for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Pro Natl Acad Sci USA, 1979, 76: 5629-5273.
- [11] 张德春, 张锡元, 杨代勤, 等. 不同地区鲢鱼人工繁殖群体遗传多样性研究[J]. 淡水渔业, 2000, 30(3): 38-41.
- [12] 张海发, 陈湘舜, 苏虎, 等. 异源精子激发彭泽鲫雌核发育产生的子一代及亲本 RAPD 分析[J]. 应用与环境生物学报, 1999, 5(5): 507-511.
- [13] 周莉, 桂建芳. 银鲫复合种外源遗传物质整入的 RAPD 分析[J]. 水生生物学报, 1998, 22(4): 301-306.